

**Transferibilidade de marcadores
MICROSSATÉLITES, mapeados em genomas
de arroz e TRIGO, para uso em análise
genética de *Brachiaria* spp**

- ANA LÍDIA VARIANI BONATO: Pesquisador Embrapa Gado de Corte, coordenação do projeto;
- CACILDA BORGES DO VALLE: Pesquisador Embrapa Gado de Corte, membro;
- LIANA JANK: Pesquisador Embrapa Gado de Corte, colaborador;
- SANDRA BRAMMER: Pesquisador Embrapa Trigo, colaborador;
- GISELE LEGUIZAMON: Laboratorista Embrapa Gado de Corte;
- AMADO MONÇÃO: Apoio de campo;
- ÉRICA DIAS PERDOMO: Bolsista CNPq para o projeto.

a) Resumo:

As mais importantes forrageiras do Brasil pertencem ao gênero *Brachiaria*. Estima-se que cerca de 60% do cerrado esteja plantado com 2 espécies de *Brachiaria*. O desenvolvimento de novas variedades por melhoramento genético depende da existência de variabilidade e que esta seja geneticamente caracterizada, a fim de orientar as hibridações e seleção dos genótipos superiores.

Atualmente dispõe-se de tecnologias de análise genômica que possibilitam identificar variação na sequência de DNA. Dentre estas, uma das

mais avançadas é a análise de sequências hipervariáveis, conhecidas como marcadores microssatélites ou SSR (Single Sequence Repeat). Estes marcadores têm sido usados para distinguir geneticamente, indivíduos da mesma espécie, para mapeamento genético, seleção assistida e para identificação de híbridos. Entretanto, o desenvolvimento de marcadores SSR para uma espécie é de alto custo e trabalhoso. A análise genômica de diversas gramíneas tem mostrado alta conservação de sequência e ordem dos genes (sintenia) entre elas. Este projeto visa estimar a transferibilidade de marcadores SSR mapeados em genomas de arroz e trigo para uso em análise genética de *Brachiaria*. O êxito desta transferência disponibilizará alta tecnologia para caracterização de espécies de *Brachiaria*.

b) Material e métodos:

Serão utilizados indivíduos de cada uma das três espécies de *Brachiaria* a serem estudadas: *B. decumbens*, *B. brizantha* e *B. ruziziensis* provenientes da coleção de germoplasma da Embrapa Gado de Corte. Estas espécies foram escolhidas por terem grande importância agrônoma e para o melhoramento genético.

Serão testados primers mapeados em genoma de arroz e trigo obtidos na literatura ou disponíveis em outras Unidades da Embrapa como o Centro Nacional de Arroz e Feijão e o Centro Nacional de Trigo, respectivamente.

A amplificação de fragmentos de microssatélites será feita por reação da polimerase em cadeia (PCR). A avaliação dos resultados ocorrerá por meio de software específico para análise da diversidade genética através de marcadores moleculares.

c) Resultados:

A transferência desses marcadores disponibilizará, por aproximadamente, um terço do custo, marcadores de alta precisão para estudos genéticos em *Brachiaria*.

Com a obtenção dos conhecimentos básicos desta metodologia nessas espécies, esta tecnologia poderá ser ampliada a uma caracterização eficiente de indivíduos, aplicada diretamente no controle de pureza varietal, para comercialização de sementes forrageiras.

Além disso, permitirá a utilização de microssatélites em trabalhos futuros na localização de genes de interesse agrônomo possibilitando a realização de seleção assistida, obtendo ganhos contínuos no melhoramento genético das espécies.